

1	GCACGAGCCGCGCGCGGGTCCGCGCAGCGATGGGCGGCGCTCGCGGGCGTTGGGGGTGC	60
1	<u>M G G R R G R W G C</u>	10
61	AGGCTGCTCGCACTGCTGCTACTGGTGCTGGACCCGGCGCGCTCTGAGATCACCTTC	120
11	<u>R L L A L L L L V P G P G G A S E I T F</u>	30
121	GAGCTTCCTGACAACGCCAAGCAGTGTCTTCTACGAGGACATCGCTCAGGGCACCAAGTGC	180
31	<u>E L P D N A K Q C F Y E D I A Q G T K C</u>	50
181	ACCTTGGAGTTCCAGGTGATTACTGGTGGTCACTATGATGTAGATTGTCGATTAGAAGAT	240
51	<u>T L E F Q V I T G G H Y D V D C R L E D</u>	70
241	CCTGATGGTAAAGTGTATACAAAGAGATGAAGAAACAGTATGATAGTTTACCTTCACA	300
71	<u>P D G K V L Y K E M K K Q Y D S F T F T</u>	90
301	GGCTCCAAAAATGGGACATACAAATTTGCTTCAGCAATGAATTTTCTACTTTCACACAT	360
91	<u>A S K N G T Y K F C F S N E F S T F T H</u>	110
361	AAACTGTATATTTTGATTTTCAAGTTGGAGAAGACCCACCTTTGTTTCCTAGTGAGAAC	420
111	<u>K T V Y F D F Q V G E D P P L F P S E N</u>	130
421	CGAGTCAGTGTCTTACCCAGGTAAATAAAAAAATCAGCAATATAATGTTGGTATATTTA	480
131	<u>R V S A L T Q V N K K I S N I M L V Y L</u>	150
481	AAAGGAGCAAAAAGCATAATTTAATATCATGCACTAACTGATGAGCATGGAATTTTGAG	540
151	<u>K G G K K H N L I S C T N *</u>	163
541	ACTGACAGTCTTTAAATCTATCTTAATTCTTACATGTAGGCATTTACAGAGAACTTCA	600
601	GACTTTTGTAGTGAAAAATAATGTTGAAAGATTTTATGAACTTTTAATTGTAAAGAGAAA	660
661	GAAGCATTAAATAAGGAGGAAGATCACTAAGGTAGAAACATCAGTGGTAAAAGAAGGTT	720
721	GGGAAGGCTGAGCAGTGTTCCAATCTTCTGAAGCATTTTCTTTAATCCCTGAAGGAATGT	780
781	TGCTGTCATACTCAGGAGGCTGGTGTAACTGGAAGCAAAATGATGCCTAAATTAGTAGAT	840
841	AAATAATACCATATCATAGCCTTTATACCATTACTTAGTGTTACTCAAGCTGCTGTAACA	900
901	GTAAC TGTGATGTA ACTTTAGGTGAAATATGAAGATTAATGGTAAGTCATCTCACAAA	960
961	AATAGTTACAAAAGCTAAATTCAGATTTATTTTGGAGACATAGAGAAAGCGTAAAAAATT	1020
1021	TAAACCCAGTGAACAACTATTGCTTAGGTGATGAGGACTGTTTTATTTCTAGTTCAAATA	1080

Fig. 1A

1081	CAGCAAAATCCAAAATGCTTCAAAATCCAAAAC	1140
1141	AAGTGAAGATTGTTACATCTGATCTCATGACACATCATTGAAAATATCATATACAGTTG	1200
1201	CCTTAAGGCTGCATGTATAAGGCATATATGAAACATAAATGAATTTTCATGTCTAGACCTG	1260
1261	GGTCCATCACAAAGATATCTCATTATGTATATGTAGACATTCCAAAATCAGAAAAAATC	1320
1321	TGAAATTCAAAGCACTTCTGGTCCCAACATTTTGGATAAGGATACTCAACCTGTATGG	1380
1381	GCTTAGATCGTATCTAAAAGTTACTCAATTAGGCATGAAAAAGAATTATTTACCACTTAT	1440
1441	TCGTTAACATCTTAAACTGGTATTTTAGTGTTCCAGGGTTCTATTTAGTCTCTTGGCCA	1500
1501	AAGTCATGGTGAAAGAAACAGCTTTAAGAATGTGTAAAAGCCTTAATTCATAAACCTGTT	1560
1561	GTTAGAATTAGCAAGATATATTCAAATACTCTTAATTTTAGAAATGTTCTCTTATTTTA	1620
1621	AGGTCTGTGTGAAGGACCCCTTGCTTTGTAAAATGATATTCTTTGGGGCCATTACCTT	1680
1681	AACCTGTATCCATTCCCTTCATGAATTTTAACTTGTATAAGGTGGCTTGTCTAAAAACCT	1740
1741	AAGTGGGTAAATATAAGAAATGAATGGTAATAAAGCAGTTAGTATCATAAAAA	1800
1801	AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA	1836

Fig. 1B

1	GCACAGCCCGCCGGGTCCGCGCAGCATGGGCGGCCGTCGCGGGCCTTGGGGGTGCAGG	60
1	<u>M G G R R G P W G C R</u>	11
61	CTGCTCGCACTGCTGCTACTGGTGCCTGGACCCGGCGCGCCTCTGAGATCACCTTCGAG	120
12	<u>L L A L L L L V P G P G G A S E I T F E</u>	31
121	CTTCTGACAACGCCAAGCAGTGCTTCTACGAGGACATCGCTCAGGGCACCAAGTGCACC	180
32	L P D N A K Q C F Y E D I A Q G T K C T	51
181	CTGGAGTTCACGGTGATTACTGGTGGTCACTATGATGTAGATTGTCGATTAGAAGATCCT	240
52	L E F Q V I T G G H Y D V D C R L E D P	71
241	GATGGTAAAGTGTTATACAAAGAGATGAAGAAACAGTATGATAGTTTACCTTCACAGCC	300
72	D G K V L Y K E M K K Q Y D S F T F T A	91
301	TCCAAAATGGGACATACAAATTTTGCTTCAGCAATGAATTTTCTACTTTCACACATAAA	360
92	S K N G T Y K F C F S N E F S T F T H K	111
361	ACTGTATATTTTGATTTTCAAGTTGGAGAAGACCCACCTTTGTTTCCTAGTGAGAACC GA	420
112	T V Y F D F Q V G E D P P L F P S E N R	131
421	GTCAGTGTCTTACCCAGATGGAATCTGCCTGTGTTTCAATTCACGAAGCTCTGAAGTCT	480
132	V S A L T Q M E S A C V S I H E A L K S	151
481	GTCATCGATTATCAGACTCATTTCCGTTTAAAGAGAAGCTCAAGGCCGAAGCCGAGCAGAG	540
152	V I D Y Q T H F R L R E A Q G R S R A E	171
541	GATCTAAATACAAGAGTGGCCTATTGGTCAGTAGGAGAAGCCCTCATTCTTCTGGTGGTT	600
172	D L N T R V A Y W S V G E A L I L L V V	191
601	AGCATAGGGCAGGTATTTCTTTTGAAAAGCTTTTCTCAGATAAAAGAACCACCACAAT	660
192	S I G Q V F L L K S F F S D K R T T T T	211
661	CGTGTGGATCATAACTACGTTTTGAGAAATGATGCACCATTGCCACTGTAATATGCTG	720
212	R V G S *	215
721	TCCTCTAATTAATTTTAGGTACTGAAGAACTTAATATTGGCAACATTTTAAATCCTTAC	780
781	TCATACACTGTGTTGGGAGGGATGTACAATGCATATTCCCAAACGTGGAAAGGACACCTT	840
841	TTTTTATTGTAAAGGTGGA AAAACTTTGGAAC TCATTTGGGCTATT CATGTTAAATAT	900
901	TCAACACCAATGATCTACTCTGTTCGCAGTTGTTTATATCTACTCTTCGCACACTAACT	960
961	TTGGTATTTTGATTCTTTTAACCATTTAAGACTACTTTTCTTATAGGTAGTTGATATTT	1020

Fig. 2A

1021	TAAAACTTTAGATTTAATGTCTACATGTGTTAGGGAGGAAGAAAAATGCCTTTTAATTG	1080
1081	TTAATAAGAAAACCAAAATGTGATGAACTGTAGCCCAAGCCCTATTCTGCACTGTTCACTT	1140
1141	TTATGGAGGAAAAATAAATCTACCATAGGAATGTTAGTTAATATTGATATATCATGGTAA	1200
1201	AATTGATTTCTCACTAGCTTAGAAAATGTCAGACTTTTGTTTTTGGGGTTTATAATTAA	1260
1261	ACCAGCTATGCTATTTTTTTCATAAAGGCATTTGTAGTACACAGAAAAACAGTAGTTTCAG	1320
1321	TAGTGTAAGAGAGTTTATACAGGCCCTTAAATATCAGACTTTGTAACAGGTAGAAATATTA	1380
1381	CAGAAATAATTTAAGACACTACAATGGGGCAAATGAAATAGGAAAATTTTGTAGTGAGTT	1440
1441	ACACGTACTCATTACATTTTCAGTGCTTTTACAAGGAAAAAAGGTGATATGTTTAATTTT	1500
1501	AAAATTTTAATTGGGCTAGCTCTTGCCCTTATATGACTTTAATGTCTGTGAGTCATTCCC	1560
1561	AGCTTAAATTAAACAATTGTAGTATT	1585

Fig. 2B

```

9 GCRLLALLLVLP..GPGGA.....SEITTFELPDNAKQCFYEDIAQGTK 49
.: |||:||: | :.|| | :|| | |.. ||||: .:...
6 AALALALWLLMPPVEVGAGPPP IQDGTEFTLLPAGRKCQFYQSAPANAS 55

50 CTLEFQVITGGHYDVCRLDEPDGKVLYKEMKKOYDSFTFTASKNGTYKF 99
.: ||||:|. ||| ||.:| :| .| :| : |...:.| |:
56 LETEYQVIGGAGLDVDFTLESPOGVLLVSES RKADGVHTVEPT EAGDYKL 105

100 CFSNEFSTFTHKTIVYDF... QVGEDPPLFPSEN RVSALTQVNKKISNI. 145
||.|.||||:..| |:|:: ..:|:..:..: |: . : : |:|
106 CFDNSFSTISEKLVFFELIFDSLQDDEEVGWAEAVEPEEMLDVKMEDIK 155

146 .....MLVYLKG..GKKHNLISCT 162
||.:|: :.:|| ...
156 ESIEI MRTLERSIQMLTLLRAFEARDRNLOEGN 189
```

Fig. 3A

HE8CV92 x HwT1ST2RBP

```
4 RRGPGWGCRLALALLLP..GPGGA.....SEITFELPDNAKQCFYEDI 44
...: :. |||:|:| :.||| :|:| |.. ||||:
1 MMAAGAALALALWLLMPPVEVGGAGPPPIQDGEFTLLPAGRKQCFYQSA 50

45 AQGTKCTLEFQVITGGHYDVDCRLEDPDGKVLKEMKKQYDSFTFTASKN 94
:.... :|:|:|:| :||| ||.:| :| .| :. : |.....
51 PANASLETEYQVIGGAGLDVDFLTLESPOGVLLVSESARKADGVHTVEPTA 100

95 GTYKFCFSNEFSTFTHKTVYDFQVGEDPPLFPSENRVSALTQMESACVS 144
|.||:|:|.||:|:| |:|:| :. . . |....|... | |
101 GDYKLCFDNSFSTISEKLVFFELIFDSLQDDEEVEGWAEAVEPEEMLDVK 150

145 IHEALKSV.....IDYQTHFRLREAQGRSRAEDLNTRVAYWSVGE 184
:.. :|: | :| | |:|. .|: .|:|:|:|:
151 MEDIKESIETMRTRLERSIQMLTLRAFEARDRNLQEGNLERVNFWSAVN 200

185 ALILLVVSIGQVFLKSFSDKRTTTT 211
.:|:|:|: || ||.|| |||...|
201 VAVLLLVAVLQVCTLKRFFQDKRPVPT 227
```

Fig. 3B

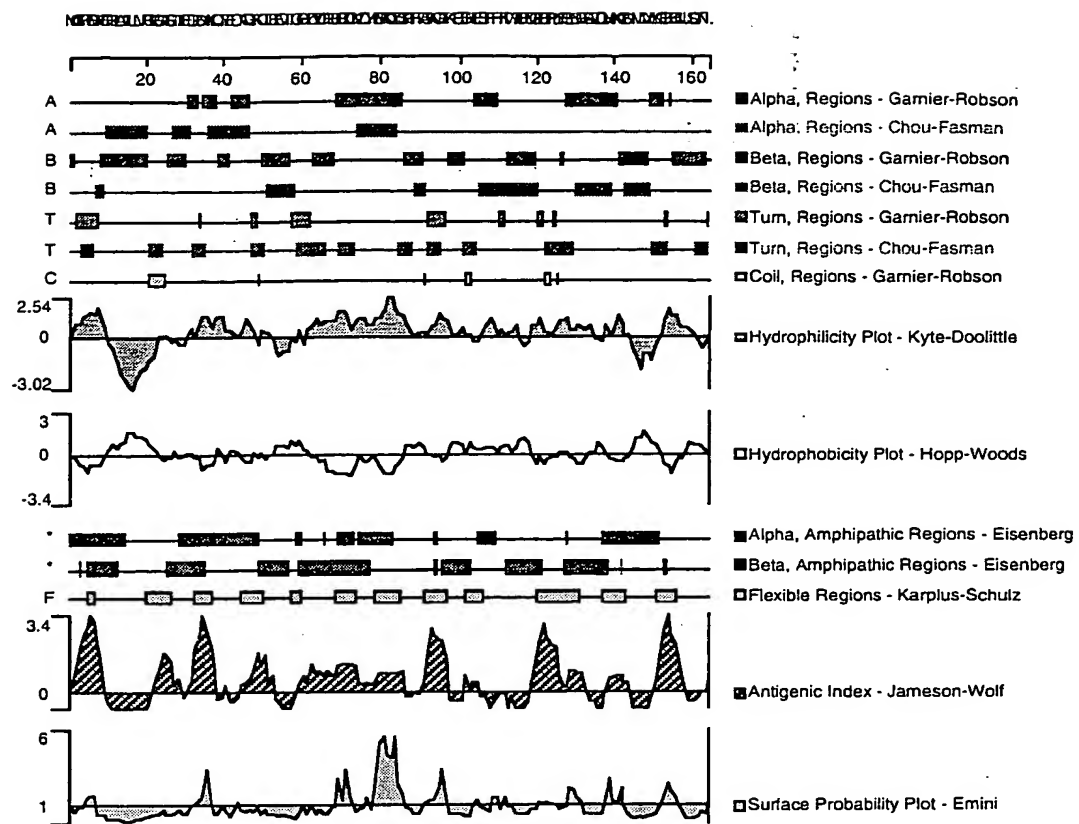


Fig. 4A

Human T1-receptor ligand amino acid (GenBank accession number:
U41804; SEQ ID NO:5)

MMAAGAALALALWLLMPPVEVGGAGPPPIQDGEFTFLLPAGRKQCFYQSAPA
NASLETEYQVIGGAGLDVDFTLESPOGVLLVSESRKADGVHTVEPTEAGDYKLC
FDNSFSTISEKL VFFELIFDSLQDDEEVEGWAEAVEPEEMLDVKMEDIKESIETM
RTRLERSIQMLTLLRAFEARDRNLQEGNLERNFWSAVNVAVLLLVAVLQVCT
LKRFFQDKRPVPT

HETDW91R (SEQ ID NO:6)

GGCANAGCCNGGCCGGGGTCCGGCAGCTGGGCGGCCGTCGCGGGCCTGT
GGGGNTGCAGGCTGCTCGCACTGCTGCNACTGGTGCCTGGACCCGGCGGC
GTCTTCTAANATCACCTTCGAGGCTTCCTGGACAACGNCAAGCAGTGCTTCT
NACGAGGACATCGCTCAGGGCACCAAGTGCACCCTGGGAGTTCCAGTGATT
ACTGGTGGTCACTGATNATGTAGATTGTCTGATTAGAAGATCCTGATGGTAAA
GTGTTATACAAAGAGATTNNAGTAACAGTNTGGTAATTTTTACCTNNACAG
NCTTCAAAAAGGGGGACATN

HSRDN17R (SEQ ID NO:7)

NACACATAAACTGTATATTTTGATTTTNAAGTTGGAGAAGACCCACCTTTN
TTTCCTAGTGAGAACCGAGTNAGTGCTCTTACCCAGATGGAATCGCCTGTGT
TTCAATTCACGAGGCTCTGA

HASAA31R (SEQ ID NO:8)

TTTCTTTTGAAAAGCTTTTTCTCAGATAAAAGAACCACCACAACCTCGTGTTGG
ATCATAACTACGTTTTGAGAATTGATGCACCATTGCCACTGTAATATTGCTGT
CCTCTAATTAATTTTAGGTACTGAAGAACTTAATATTGGCAACATTTTTAAAT
CCTTACTCATACACTTGTTGGGAGGGATGTACAATGCATATTCCTCAAACCTGT
GGAAAGGACACCTTTTTTTATTTGTAAAGGTGGNAAAACCTTTGGAACCTCATT
TTGGGCTATTTCATGTTAAATATTCAACACCAATGATCTACTCTGTTCCGAGTT
GTTTATATCTACTCTTCGGACACTAACTTNGTATTTTGGNTCCNTTTAACCT
TT

HPFCQ85R (SEQ ID NO:9)

AATTCGGCACGAGGTGATATGTTTAATTTTAACATTTTAATTGGCTAGCTCTT
GCCCTTATATGACTTTAATGTCTGTGAGTCATTCCCAGCTTAAATTAACAATT
GTTAGTATTAGTCTCACACATAAGTGCCATACATTTTATCCTCATGGATGTGA
TGCCTGAAAAGTTAGTTGCTCTCTCTTTTTTTCTTTTTTTTGTCTGCATATTTT
ATTTCTGTAGTTTCTGGTTAGCTACCCTAAAGTGATTTAAAAATTTAGAATGC
TTTGTGTTTCTTATTTGGTAATCTTCATTGACTTTTCTTTAGTTAATGAGTATT
AAATGGTGCATATCCTGTAGACTATAGGGNTTACAATGNGTTGCACCTTATA
ACTTGGATTAGATNGGCNGATTGNAATAGGTTTGGTCCCAGNTTTATCCGTT
GGATCCAAGTGGTTCCAAATTTTTINGGNTTTAAGGCTTCCGCGGTTNTTTTT
TTANNGCACCGTTTTNCCGGGNCCTTNCCCCCAA

Fig. 5